

(12) NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES
PATENTWESENS (PCT) VERÖFFENTLICHTE INTERNATIONALE ANMELDUNG

(19) Weltorganisation für geistiges Eigentum
Internationales Büro



(43) Internationales Veröffentlichungsdatum
24. April 2003 (24.04.2003)

PCT

(10) Internationale Veröffentlichungsnummer
WO 03/033732 A2

- (51) Internationale Patentklassifikation⁷: C12Q 1/68 (81) Bestimmungsstaaten (national): AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BY, BZ, CA, CH, CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DK, DM, DZ, EC, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NO, NZ, OM, PH, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VN, YU, ZA, ZM, ZW.
- (21) Internationales Aktenzeichen: PCT/EP02/10800
- (22) Internationales Anmeldedatum:
26. September 2002 (26.09.2002)
- (25) Einreichungssprache: Deutsch
- (26) Veröffentlichungssprache: Deutsch (84) Bestimmungsstaaten (regional): ARIPO-Patent (GH, GM, KE, LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZM, ZW), eurasisches Patent (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), europäisches Patent (AT, BE, BG, CH, CY, CZ, DE, DK, EE, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE, SK, TR), OAPI-Patent (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GQ, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).
- (30) Angaben zur Priorität:
101 50 121.8 11. Oktober 2001 (11.10.2001) DE
- (71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten mit Ausnahme von US): BERNHARD-NOCHT-INSTITUT FÜR TROPENMEDIZIN [DE/DE]; Bernhard-Nocht-Strasse 74, 20359 Hamburg (DE).
- (72) Erfinder; und
- (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): DROSTEN, Christian [DE/DE]; Landwehrplatz 1, 20535 Hamburg (DE).
- (74) Anwälte: WEBER-QUITZAU, Martin usw.; Uexküll & Stolberg, Beselerstr. 4, 22607 Hamburg (DE).

Veröffentlicht:

— ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts

Zur Erklärung der Zweibuchstaben-Codes und der anderen Abkürzungen wird auf die Erklärungen ("Guidance Notes on Codes and Abbreviations") am Anfang jeder regulären Ausgabe der PCT-Gazette verwiesen.



WO 03/033732 A2

(54) Title: REAL-TIME DETECTION OF DNA AMPLIFICATION PRODUCTS

(54) Bezeichnung: ECHTZERZEITDETEKTION VON DNA-AMPLIFIKATIONSPRODUKTEN

(57) Abstract: The invention relates to a method for the real-time detection of DNA amplification products. The invention also relates to partially double stranded oligonucleotides, which are used during the real time detection, in addition to kits for carrying out said method.

(57) Zusammenfassung: Die Erfindung betrifft ein Verfahren zur Echtzeitdetektion von Desoxyribonukleinsäure-Amplifikaten. Ferner betrifft die Anmeldung partiell doppelsträngige Oligonukleotide, die im Rahmen der Echtzeitdetektion Anwendung finden, sowie Kits zur Durchführung des Verfahrens.

Echtzeitdetektion von DNA-Amplifikationsprodukten

Die vorliegende Erfindung betrifft ein Verfahren zur Echtzeitdetektion von Desoxyribonukleinsäure-Amplifikationsprodukten. Ferner betrifft die Anmeldung partiell doppelsträngige Oligonukleotide, die im Rahmen der Echtzeitdetektion Anwendung finden, sowie Kits zur Durchführung des Verfahrens.

Verfahren zur Amplifikation von Desoxyribonukleinsäuren (DNA) ermöglichen deren exponentielle Vervielfältigung und machen auch geringe Nukleinsäuremengen einem qualitativen oder quantitativen Nachweis bzw. weitergehenden Applikationen zugänglich. Verfahren zur Amplifikation von DNA sind im Stand der Technik bekannt und schließen beispielsweise die Polymerasekettenreaktion (PCR) ein.

Durch den initialen Schritt einer Reversen Transkription (RT) lassen sich auch Ribonukleinsäuren (RNA) mittels DNA-Amplifikation vervielfältigen. In der Regel werden die Produkte solcher Amplifikationsverfahren nach Abschluß der Reaktion durch eine

Endpunktanalyse bestimmt. Geeignete Verfahren zur qualitativen und/oder quantitativen Bestimmung von Amplifikationsprodukten sind im Stand der Technik hinreichend bekannt und umfassen beispielsweise photometrische Messmethoden oder die Analyse
5 mittels Agarose-Gelelektrophorese.

Bei DNA-Amplifikationsverfahren wie der PCR ist es auch möglich, bereits während der Amplifikation der DNA die entsprechenden Produkte nachzuweisen. Der im Verlauf der PCR
10 erfolgende Nachweis von PCR-Amplifikationsprodukten ermöglicht die Erhebung einer Reaktionskinetik, womit eine verlässliche Quantifizierung der in die PCR eingebrachten Menge an DNA verbunden ist (Bustin, S. "Absolute quantification of mRNA using real-time reverse transcription polymerase chain reaction
15 assays" J Mol Endocrinol 25 (2000) 169-193). Dieses PCR-Verfahren mit Echtzeitdetektion der PCR-Produkte (auch "real-time PCR" genannt) ist seit mehreren Jahren etabliert und erfährt derzeit einen enormen Zuwachs hinsichtlich seiner Anwendungsgebiete, insbesondere in den Bereichen der molekularen Erregerdiagnostik und der Genexpressionsanalyse (Bustin, S.
20 "Absolute quantification of mRNA using real-time reverse transcription polymerase chain reaction assays" J Mol Endocrinol 25 (2000) 169-193). Zum Nachweis des entstehenden PCR-Produktes während der Reaktion kommen dabei verschiedene technische
25 Detektionsprinzipien zur Anwendung:

1. 5'-Nuklease PCR ("TaqMan-PCR")

Eine doppelt fluoreszenzmarkierte DNA-Sonde hybridisiert mit
30 dem PCR-Produkt und wird durch die 5'-Nukleaseaktivität der verwendeten DNA-Polymerase verdaut. Es kommt dabei zur physikalischen Trennung der beiden auf der Sonde befindlichen Fluorophore und zu einer detektierbaren Reversion eines Energietransferprozesses (Livak, K. et al. "Oligonucleotides
35 with fluorescent dyes at opposite ends provide a quenched probe system useful for detecting PCR product and nucleic acid

hybridization" PCR Methods Appl 4 (1995) 357-362).

2. Molecular Beacons

5 Diesem Verfahren liegt das gleiche Prinzip zugrunde, jedoch erfolgt die Reversion des Energietransfers hier über eine sterische Konformationsänderung in der Sekundärstruktur der Sonde, die durch den Hybridisierungsvorgang ausgelöst wird. Ein Verdau der Sonde ist nicht nötig (Tan, W. et al. "Molecular
10 beacons: a novel DNA probe for nucleic acid and protein studies" Chemistry 6 (2000) 1107-1111).

3. Hybridization Probes

15 Bei diesem Verfahren beruht die Detektion auf einem Neuauftreten von Energietransfer, wenn zwei DNA-Sonden benachbart an einem DNA-Strang hybridisieren (Bernhard, P. B. und Wittwer, C. T. "Homogenous amplification and variant
20 detection by fluorescent hybridization probes" Clin Chem 46 (2000) 147-148).

4. Sequenzunspezifischer Nachweis mit SYBR[®] Green I

SYBR[®] Green I ist ein unsymmetrischer Cyanin-Farbstoff, der un-
25 abhängig von der Sequenz in doppelsträngige DNA (dsDNA) interkalieret, wobei der dsDNA-gebundene Farbstoff effizient bei ca. 488 nm und ca. 254 nm angeregt werden kann. Durch seine Thermostabilität ermöglicht SYBR[®] Green I einen real-time Nachweis von PCR-Produkten (Wittwer, C. T. et al. "Continuous
30 fluorescence monitoring of rapid cycle DNA amplification" Biotechniques 22 (1997) 130-138). Zahlreiche unsymmetrische Cyanin-Farbstoffe sind z.B. in US 5,436,134, US 5,658,751, WO 94/24213 und WO 96/13552 offenbart. Bei SYBR[®] Green I und SYBR[®] Gold handelt es sich um interkalierende Farbstoffe mit

- 4 -

außergewöhnlich hoher Affinität zu dsDNA. Interkalierende Farbstoffe besitzen die Eigenschaft, sich in die "Minor Groove" ("kleine Furche") von doppelsträngiger DNA einzulagern. Durch diese Bindung wird die Fluoreszenz bei gleicher Anregungsintensität um ein vielfaches verstärkt, und man erhält ein Signal, dessen Intensität direkt proportional zu der Zahl der vorhandenen Doppelstränge ist. Der dsDNA-gebundene Farbstoff SYBR[®] Green I besitzt eine Haupt-Anregungsbande bei 497 nm (weitere Anregungsmaxima liegen bei etwa 290 nm und etwa 380 nm), das Emissionsmaximum des SYBR[®] Green I-Nukleinsäurekomplexes liegt bei etwa 520 nm. SYBR[®] Green I kann effizient bei ca. 488 nm und ca. 254 nm angeregt werden. Der dsDNA-gebundene Farbstoff SYBR[®] Gold weist einen Haupt-Anregungsmaximum bei etwa 495 nm auf, ein weiterer Anregungspeak liegt bei etwa 300 nm, und das Emissionsmaximum des SYBR[®] Gold-Nukleinsäurekomplexes liegt bei etwa 537 nm. Die Fluoreszenz-Anregungs- und Fluoreszenz-Emissionsspektren von SYBR[®] Green I und SYBR[®] Gold sind in Fig. 1 dargestellt.

- 20 Bei den unter 1. bis 3. oben genannten Verfahren sind sequenzspezifische DNA-Detektionssonden erforderlich, deren Synthese aufwendig und teuer ist. Gleichzeitig muß in der nachzuweisenden Nukleinsäure zumindest der Bereich der Sondenbindungsstellen hochgradig konserviert sein. Ein
- 25 Nachweis variabler Sequenzen ist mit Sonden nicht zuverlässig möglich.

In vielen Bereichen der Molekularbiologie, vor allem bei der Analyse von Genexpression und beim Nachweis von RNA-Viren wie

30 HIV-1 oder HCV, ist die Amplifikation und Quantifizierung von RNA durch die PCR wünschenswert. Hierzu kann prinzipiell eine Reverse Transkription-Polymerasekettenreaktion (RT-PCR) mit Echtzeitdetektion (real-time RT-PCR) durchgeführt werden. Eine

RT-PCR kann generell mittels zweier unterschiedlicher Verfahren erfolgen.

Bei der zweistufigen RT-PCR (2-Step RT-PCR) wird die zu
5 quantifizierende RNA zunächst in einer separaten Reaktion mit
Hilfe einer Reversen Transkriptase in komplementäre DNA (cDNA)
transkribiert (Reverse Transkription). Die entstandene cDNA
wird im folgenden in einer PCR mittels einer hitzestabilen DNA-
Polymerase (z.B. *Thermus aquaticus* Polymerase, Taq-Polymerase)
10 amplifiziert.

Bei der einstufigen RT-PCR (1-Step RT-PCR) erfolgen Reverse
Transkription und Amplifikation unmittelbar hintereinander in
derselben Reaktion. Diese Variante bietet drei wesentliche
15 Vorteile: (i) deutlich höhere analytische Präzision in der
Quantifizierung durch Wegfall eines Pipettierschrittes; (ii)
verringerte Kontaminationsgefahr in der qualitativen Diagnostik
durch weniger Manipulationsschritte (Kwok, S. und Higuchi, R.
"Avoiding false positives with PCR" Nature 339 (1989) 237-238);
20 (iii) erhöhte Sensitivität in beiden Anwendungsbereichen durch
Wegfall eines Verdünnungsfaktors zwischen RT und PCR.

Sowohl bei der einstufigen als auch die zweistufigen RT-PCR
kann im Rahmen der Amplifikation der cDNA eine
25 Echtzeitdetektion der Amplifikationsprodukte durchgeführt
werden.

Die Durchführung von einstufigen RT-PCR Reaktionen kann mit
Hilfe einer einzelnen *Thermus thermophilis* Polymerase (Tth-
30 Polymerase) oder mittels Enzymkombinationen erfolgen. Die Tth
Polymerase ist eine DNA Polymerase aus dem thermophilen
Bakterium *Thermus thermophilis*, die eine außergewöhnlich hohe
Reverse Transkriptase-Nebenaktivität besitzt. Dadurch kann eine
einstufige RT-PCR mit nur einem Enzym realisiert werden.

Zur Entwicklung einer maximalen RT-Aktivität bei Verwendung der Tth-Polymerase müssen dabei die physiologischerweise in der Reaktion verwendeten Magnesiumionen durch Manganionen ersetzt werden. Nachteilig wirkt sich aber aus, daß RNA in Gegenwart
5 von Manganionen degradiert wird (Carninci, P. et al. "Thermostabilization and thermoactivation of thermolabile enzymes by trehalose and its application for the synthesis of full length cDNA. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 95 (1998) 520-524). Dies erklärt die generell limitierte Sensitivität dieses Verfahrens.

10 Durch Optimierung der Pufferbedingungen ist es auch möglich, Reverse Transkriptase und Taq DNA-Polymerase in derselben Reaktion zu verwenden. Diese Verfahrensvariante ermöglicht eine hohe Sensitivität und wird daher in der qualitativen Diagnostik
15 zum Erregernachweis bevorzugt. Die verwendeten Reversen Transkriptasen stammen dabei aus den beiden Retroviren Moloney Murine Leukemia Virus (MMuLV) oder Avian Myeloma Virus (AMV).

Der Nachweis hochvariabler RNA-Viren stellt einen
20 Kernanwendungsbereich der RT-PCR in der Molekulardiagnostik dar. Insbesondere Humanes Immundefizienz Virus-1 (HIV-1) und Hepatitis C Virus (HCV) müssen quantitativ nachgewiesen werden, etwa um die Viruslast bei Patienten unter Therapie zu beobachten. Aus dem Ergebnis dieses Nachweises ergeben sich
25 direkte Therapieindikationen. Auch der quantitative Nachweis anderer variabler RNA-Viren, wie etwa des Lassavirus, kann über eine Prognose und das Ansprechen der Therapie Auskunft geben. Beim Nachweis hochvariabler Viren (d.h. Viren, bei denen es im Verlauf einer Infektion zu Änderungen der viralen
30 Nukleinsäuresequenzen kommt, sogen. "Virusvariabilität") stellt sich insbesondere das oben angesprochene Problem der Nachweisbarkeit mit Sonden. Soll die PCR mit Echtzeitdetektion zur Quantifizierung dieser Viren ausgenutzt werden, müssen Sondenbindungsstellen identifiziert werden, die konserviert
35 sind. Dies ist bei vielen der angesprochenen Viren jedoch nur eingeschränkt oder gar nicht möglich.

Eine Alternative zur Verwendung von Sonden stellt die sequenz-unabhängige Detektion mit Hilfe von DNA-bindenden Farbstoffen wie SYBR[®] Green I (s.o.) dar. Dieses Verfahren ist zum gegenwärtigen Zeitpunkt noch nicht zufriedenstellend realisiert, da die retroviralen Reversen Transkriptasen, die in der Erregerdiagnostik eingesetzt werden, extrem stark durch SYBR[®] Green I gehemmt werden, und zwar bereits bei relativ niedrigen Konzentrationen, die für eine Detektion gerade noch ausreichen
10 (0,001% v/v). Dieser Umstand erzwingt eine Trennung von Reverser Transkription und PCR mit den bereits erwähnten Nachteilen. Das heißt, eine einstufige RT-PCR (1-Step RT-PCR) ist bislang unter Verwendung retroviraler Reverser Transkriptasen nur sehr eingeschränkt möglich.

15

Da DNA-Polymerasen durch SYBR[®] Green I nicht gehemmt werden, kann eine einstufige RT-PCR mit Tth DNA-Polymerase in Gegenwart von SYBR[®] Green I jedoch durchgeführt werden, indem man die Reverse Transkriptase-Nebenaktivität der Tth Polymerase
20 ausnutzt.

Tth Polymerase-enthaltende einstufige RT-PCR-Systeme für Detektionen mit SYBR[®] Green I sind im Stand der Technik bekannt (Fa. Roche); sie weisen jedoch den bereits erwähnten Nachteil
25 einer geringen Sensitivität auf.

Aufgabe der vorliegenden Erfindung ist es daher, ein Echtzeit-Detektionsverfahren bereitzustellen, bei dem man in einer einstufigen Reaktion RNA zunächst revers transkribiert, man die
30 entstandene komplementäre DNA (cDNA) amplifiziert, und man die DNA-Amplifikationsprodukte (DNA-Amplifikate) sequenzunabhängig detektiert, wobei Effizienz und Sensitivität des zur Reversen Transkription verwendeten Enzyms nicht oder nicht signifikant beeinflusst werden. Insbesondere ist es Aufgabe der Erfindung

ein sensitives 1-Step RT-PCR-Verfahren mit (vorzugsweise sequenzunabhängiger) Echtzeit-Detektion der Amplifikate bereitzustellen. Vorzugsweise weist dieses Verfahren eine Sensitivität auf, die es erlaubt weniger als 1000 Kopien eines
5 RNA-Moleküls nachzuweisen.

Die Aufgabe wird erfindungsgemäß durch ein Verfahren zur Durchführung einer Nukleinsäureamplifikation gelöst, bei dem man in einer einstufigen Reaktion RNA revers transkribiert, man
10 die gebildete komplementäre DNA (cDNA) amplifiziert und man die gebildeten Amplifikate sequenzunabhängig in Echtzeit detektiert, wobei man zur Detektion einen thermostabilen Farbstoff verwendet, der selektiv an doppelsträngige Desoxyribonukleinsäure (dsDNA) bindet. Um eine Hemmung des Enzyms, das die
15 reverse Transkription katalysiert, zu vermeiden, wird der Farbstoff vor der reversen Transkription immobilisiert. Vor der Amplifikation wird der Farbstoff wieder freigesetzt, damit er zur Bindung an die Amplifikate zur Verfügung steht. Die Farbstoff-gebundenen Amplifikate werden erfindungsgemäß
20 qualitativ und/oder quantitativ nachgewiesen.

Unter einem selektiv an dsDNA bindenden Farbstoff wird vorliegend ein Farbstoff verstanden, der ausschließlich oder überwiegend an doppelsträngige DNA, jedoch nicht oder nur in
25 geringem Umfang an einzelsträngige DNA (ssDNA) bindet.

Die wesentlichen Vorteile des erfindungsgemäßen Verfahrens bestehen darin, daß das Verfahren gegenüber bislang bekannten Verfahren zur Amplifikation von Nukleinsäuren mit
30 Echtzeitdetektion eine höhere Sensitivität aufweist, die der eines optimierten Verfahrens, wie beispielsweise einer RT-PCR ohne Echtzeitdetektion der entstehenden PCR-Produkte, entspricht. Gleichzeitig erlaubt das vorliegende Verfahren einen sequenzunabhängigen Erregernachweis, d.h. eine Detektion
35 der Amplifikate ohne die Notwendigkeit sequenzspezifischer DNA-Sonden.

Die Unsicherheit von im Stand der Technik eingesetzten Sondendetektionsverfahren bei hochvariablen Sequenzen wurde eingangs bereits ausführlich erläutert. Basenfehlpaarungen an 5 der Sondenbindungsstelle können nicht nur zu falschen Ergebnissen bei der Quantifizierung führen, sondern im Extremfall können sich falsch negative Testergebnisse ergeben (beispielsweise beim diagnostischen Nachweis von HIV oder hämorrhagischen Fiebertviren). Ferner sind die Kosten für eine 10 Echtzeitdetektionssonde relativ hoch. Sie belaufen sich für einen kleinen Synthesemaßstab (ausreichend für ca. 1000 Reaktionen) derzeit auf etwa DM 500,- bis DM 1000,-. Auch erlaubt eine Sonde immer nur die Quantifizierung einer einzigen Zielsequenz. Sollen also für Expressionsstudien etwa 20 bis 30 15 verschiedene zelluläre RNA-Spezies untersucht werden, kostete eine solche Untersuchung etwa DM 14000,- bis DM 21000,-. Diese Kosten übersteigen die finanziellen Möglichkeiten der meisten institutionellen bzw. universitären Arbeitsgruppen.

20 Demgegenüber erlaubt das erfindungsgemäße Verfahren die Herstellung eines universellen Detektionsreagenz-Kits, das ein teilweise doppelsträngiges Oligonukleotid und einen thermostabilen, für dsDNA selektiven Farbstoff umfasst. Die Kosten sind Vergleich zu einer Sondendetektion äußerst niedrig. Gleich- 25 zeitig kann aufgrund des Verzichts auf sequenzspezifische Sonden jede beliebige Zielsequenz bestimmt werden, da die Detektion sequenzunabhängig, d.h. unabhängig von einer bestimmten Nukleotidsequenz innerhalb des zu amplifizierenden Sequenzbereichs, erfolgt.

30

Im Rahmen der vorliegenden Erfindung wird unter "Reverser Transkription" (RT) eine Reaktion oder ein Reaktionsverfahren verstanden, bei dem RNA als Matritze für die Bildung komplementärer DNA (cDNA) verwendet wird. Der Vorgang der cDNA- 35 Synthese kann dabei von einer RNA-abhängigen DNA-Polymerase katalysiert werden, die vorliegend auch als "Reverse Trans-

kriptase" bezeichnet wird.

Die entstandene cDNA dient einer nachfolgenden Amplifikationsreaktion als Ausgangsmolekül (Templat). Bei der zur Vermehrung
5 der cDNA angewendeten Amplifikationsreaktion handelt es sich vorzugsweise um eine Polymerase-Ketten-Reaktion (PCR), es ist jedoch auch denkbar, die Amplifikation mit Hilfe einer NASBA ("nucleic acid sequence based amplification"; Vandamme, A.M. et al. "Detection of HIV-1 RNA in plasma and serum samples using
10 the NASBA amplification system compared to RNA-PCR". J. Virol. Methods 52 (1995) 121-132) oder einer TMA ("transcription mediated amplification"; Pasternack, R. et al. "Evaluation of the Gen-probe Chlamydia trachomatis transcription-mediated amplification assay with urine specimens from women" J. Clin.
15 Microbiol. 35 (1997) 676-678) durchzuführen.

Erfolgt die Amplifikation mit Hilfe einer PCR, so entspricht die gesamte erfindungsgemäße Amplifikationsreaktion einer RT-PCR. Eine RT-PCR ist grundsätzlich als einstufige oder zweistufige
20 Reaktion durchführbar.

Im Rahmen der vorliegenden Erfindung wird unter dem Begriff "einstufige Reaktion" eine Reaktion oder ein Reaktionsverfahren verstanden, bei dem Reverse Transkription und DNA-Amplifikation
25 unmittelbar hintereinander in demselben Reaktionsansatz erfolgen, ohne daß das Reaktionsgefäß, in dem der Reaktionsansatz enthalten ist, im Verlauf der Reaktion geöffnet werden muß, um weitere Reaktionskomponenten zuzufügen.

30 Im Gegensatz dazu wird unter einer "zweistufigen Reaktion" eine Reaktion oder ein Reaktionsverfahren verstanden, bei dem Reverse Transkription und DNA-Amplifikation hintereinander in zwei verschiedenen Reaktionsansätzen erfolgen. Dazu wird in der Regel zunächst eine Reverse Transkription in einem kleinen
35 Reaktionsvolumen durchgeführt, in dem die Bedingungen der für die Reverse Transkription optimal eingestellt werden können.

- 11 -

Nach Abschluß der reversen Transkription wird der gesamte Ansatz oder ein Teil desselben in eine Amplifikationsreaktion eingesetzt. Der Nachteil dieser Vorgehensweise besteht in einem erhöhten Kontaminationsrisiko sowie einer deutlich geringeren
5 analytischen Präzision durch zusätzliche Pipettierschritte. Dieser Nachteil wird durch das erfindungsgemäße Verfahren vermieden.

Im Rahmen der vorliegenden Erfindung können die beiden
10 enzymatischen Reaktionen (Reverse Transkription und Amplifikation) von jeweils einer oder von mehreren im Reaktionsansatz enthaltenen Enzymen katalysiert werden.

Die im Rahmen der Erfindung verwendeten Farbstoffe sind
15 thermostabil. Der Begriff "thermostabil" bezeichnet vorliegend die Eigenschaft der Farbstoffe, auch bei den durch das thermische Amplifikationsprofil bedingten hohen Temperaturen funktionstüchtig zu bleiben. Die Farbstoffe sind auch bei
20 Detektionstemperaturen von über 80°C in der Lage, an doppelsträngige DNA zu binden. Durch Erhitzen auf Temperaturen von über 90°C darf außerdem keinerlei irreversible Strukturänderung des Farbstoff-Moleküls erfolgen, der eine nachträgliche Beeinträchtigung der Funktionalität bei einer für die Detektion übliche Temperatur zur Folge hat.

25 Der zur Detektion verwendete Farbstoff bindet selektiv an doppelsträngige DNA. Unter "selektiv binden" wird dabei die Eigenschaft der Farbstoffe verstanden, mit deutlich höherer Affinität an doppelsträngige DNA zu binden als an
30 einzelsträngige DNA. So bindet beispielsweise der erfindungsgemäß geeignete Farbstoff Ethidiumbromid zwar nicht ausschließlich an doppelsträngige DNA, sondern auch in geringem Maße an einzelsträngige DNA, doch ist die Affinität des verwendeten Farbstoffs zu doppelsträngiger DNA um ein
35 Vielfaches höher als die Affinität zu einzelsträngiger DNA. Die

erfindungsgemäß geeigneten Farbstoffe umfassen sowohl selektiv an dsDNA bindende Moleküle, die entweder allein oder als Farbstoff-Nukleinsäure-Komplex qualitativ und/oder quantitativ nachweisbar sind.

5

Ein erfindungsgemäß bevorzugter Farbstoff ist der unsymmetrische Cyaninfarbstoff SYBR[®] Green I.

Der Nachweis von Farbstoffen wie SYBR[®] Green oder Ethidiumbromid
10 kann beispielsweise über eine Fluoreszenzmessung erfolgen.

Die Bindung des Farbstoffs an die DNA kann auf verschiedene Mechanismen zurückzuführen sein. Es kann sich um eine kovalente Bindung oder eine nicht-kovalente Interaktion zwischen den
15 Farbstoff-Molekülen und den doppelsträngigen DNA-Molekülen handeln. So werden gemäß einer erfindungsgemäß bevorzugten Ausführungsform beispielsweise interkalierende Farbstoffe verwendet, die in die Zwischenräume benachbarter Basenpaare einer Nukleinsäuresequenz eindringen. Derartige Farbstoffe sind
20 dem Fachmann gut bekannt und umfassen u.a. SYBR[®] Green und Ethidiumbromid. Die Bindung dieser Farbstoffe beruht auf einer Wechselwirkung der aromatischen Ringsysteme mit den planaren Heterocyclen der Nukleinsäure-Basen.

25 Gemäß einer bevorzugten Ausführungsform der Erfindung wird der Farbstoff aus der Gruppe bestehend aus SYBR[®] Green I, SYBR[®] Green II und Ethidiumbromid ausgewählt. Ferner sind die Farbstoffe PicoGreen (vgl. E.L. Romppanen et al., Anal. Biochem. 279 (2000) 111-114), YO-PRO-1 (vgl. I.D. Johnson et al., Biophys.
30 J. 61 (1992) A314, Abstract Nr. 1806), YOYO-1 (H.S. Rye et al., Anal. Biochem. 208 (1993) 144-150) und Hoechst 33258 (4-[5-(4-Methyl-1-piperazinyl)] [2,5'-bis-1H-benzimidazol]-2'-yl]-phenol-trihydrochlorid; Chemical Abstracts Registry Nr. 23491-45-4; vgl. R. Rago et al., Anal. Biochem. 191 (1990) 31-34) geeignet.

Im Rahmen der vorliegenden Erfindung wird der Farbstoff vor der Reversen Transkription immobilisiert. Gemäß einer bevorzugten Ausführungsform erfolgt das Immobilisieren, indem man den 5 Farbstoff in einem Lösungsmittel mit einem Schmelzpunkt im Bereich von 10°C bis 40°C löst und man die Farbstofflösung am Boden des Reaktionsgefäßes "festfriert". das Festfrieren kann in handelsüblichen Behältnissen, wie beispielsweise PCR-Reaktionsbehältern erfolgen. Dabei wird der Farbstoff durch die 10 erhöhten Reaktionstemperaturen der Reversen Transkription freigesetzt und diffundiert in die Reaktionslösung. Die Diffusionsgeschwindigkeit der Farbstofflösung ist ausreichend gering, um während der Reversen Transkription das Enzym, welches diesen Reaktionsschritt katalysiert, nicht oder nicht 15 wesentlich zu inhibieren.

Gemäß einer besonders bevorzugten Ausführungsform der Erfindung handelt es sich bei dem Lösungsmittel um Dimethylsulfoxid (DMSO), welches einen Schmelzpunkt von 18,45°C aufweist.

20 Gemäß einer weiteren Ausführungsform der Erfindung immobilisiert man den Farbstoff, indem man ihn an ein zumindest teilweise doppelsträngiges Oligonukleotid binden läßt, dessen Schmelztemperatur oberhalb der zur Durchführung der reversen 25 Transkription erforderlichen Temperatur aber unterhalb der zur Detektion von PCR-Produkten geeigneten Temperatur (80-90°C) liegt. Der Farbstoff wird dadurch freigesetzt, daß man die Temperatur vor bzw. zur Durchführung der Amplifikation erhöht. Dabei wird aus dem doppelsträngigen Oligonukleotid, an das der 30 Farbstoff vor der Reversen Transkription gebunden war, ein einzelsträngiges Oligonukleotid gebildet, an das der Farbstoff nicht mehr bindet.

Als "Oligonukleotide" werden vorliegend einzelsträngige DNA- 35 Moleküle bezeichnet, die vorzugsweise eine Länge von etwa 10

bis 500 Basenpaaren aufweisen.

Unter einem "zumindest teilweise doppelsträngigen Oligonukleotid" versteht man im Rahmen der vorliegenden Erfindung ein (einzelssträngiges) Oligonukleotid, bei dem
5 zumindest bestimmte Bereiche durch intramolekulare Basenpaarung als DNA-Doppelstrang vorliegen. Die Basenpaarungen kommen dabei vorzugsweise durch invertierte Sequenzwiederholungen am 5'-Ende und am 3'-Ende des Oligonukleotidstrangs zustande und sind
10 somit zueinander spezifisch.

Gemäß einer besonders bevorzugten Ausführungsform der vorliegenden Erfindung liegt die Schmelztemperatur des Oligonukleotids im Bereich von etwa 45°C bis etwa 85°C. Als "Schmelz-
15 temperatur" des Oligonukleotids wird erfindungsgemäß diejenige Temperatur bezeichnet, die notwendig ist, um ein vollständig oder teilweise doppelsträngiges Oligonukleotid durch Auflösen der Basenpaarungen in ein einzelssträngiges Oligonukleotid zu überführen.

20 Erfindungsgemäß kann es sich bei dem Oligonukleotid um ein Haarnadelschleifen-Oligonukleotid (Hairpin-Oligonukleotid) handeln. Unter "Haarnadelschleifen-Oligonukleotid" wird in diesem Zusammenhang ein Oligonukleotid verstanden, welches aus
25 einem durch spezifische Basenpaarung invertierter Nukleotidsequenz-Wiederholungen gebildeten Stamm und einer offenen Schleife besteht. Der strukturelle Aufbau ist in Fig. 2 schematisch am Beispiel einer bevorzugten Ausführungsform dargestellt. Der Stamm bestimmt maßgeblich die
30 Schmelztemperatur eines Haarnadelschleife-Oligonukleotids, wobei die Schmelztemperatur unter anderem vom G/C-Gehalt und der Länge des Oligonukleotids sowie von der Art der Nukleinsäure (DNA-, RNA oder PNA-Oligonukleotid) und dem Salzgehalt der Reaktionsmischung abhängt. Bei Oligonukleotiden
35 mit einer Länge von ≥ 5 bp spielen auch Sequenzwiederholungen

eine Rolle. Diese Faktoren sind dem Fachmann wohlbekannt, und die Einstellung der Schmelztemperatur ist daher auf relativ einfache Weise möglich (vgl. z.B. F. Schaeffer et al., EMBO J. 1 (1982) 99-105; J. De Ley, J. Bacteriol. 101 (1970) 738-754; 5 T. Latham et al. DNA 8 (1989) 223-231).

Der Begriff "Schleife" bezeichnet dabei den Bereich eines Oligonukleotids, der zwischen zwei Bereichen lokalisiert ist, die durch spezifische Basenpaarung die Stamm-Struktur des 10 Oligonukleotids bilden. Unter "Stamm" oder "Stamm-Struktur" des Oligonukleotids wird erfindungsgemäß ein doppelsträngiger Bereich des Oligonukleotids verstanden, der durch spezifische Basenpaarung invertierter Nukleotidsequenz-Wiederholungen entsteht.

15 Bevorzugt besitzt das Haarnadelschleifen-Oligonukleotid die in Fig. 2 dargestellte allgemeine Struktur. Vorzugsweise weist das Molekül eine nicht-basische (abasische) Schleifen-Sequenz auf, die zwischen den am 5'-Ende und am 3'-Ende des Oligonukleotids 20 liegenden und zur Doppelstrangbildung befähigten Sequenzabschnitten liegt. Im Rahmen der vorliegenden Erfindung können anstelle des Haarnadelschleifen-Oligonukleotids auch zwei einzelne, revers komplementäre Oligonukleotide verwendet werden, die am 3'-OH-Ende phosphoryliert sind. Die in Bezug auf 25 das Haarnadelschleifen-Oligonukleotid genannten Bedingungen und Eigenschaften müssen auch für die beiden komplementären Oligonukleotide gelten.

Unter "abasischer Sequenz" (auch als "abasischer Spacer" 30 bezeichnet) wird im Rahmen der vorliegenden Erfindung ein Sequenzabschnitt verstanden, der aus einer Abfolge nicht-basischer Nukleotide besteht (d.h. aus Nukleotiden, die keine Base enthalten). Im Gegensatz zu den für Nukleinsäuren typischen Bausteinen besitzen nicht-basische Nukleotide keine 35 Purin-, Pyrimidin- oder andere, dem Fachmann aus Nukleinsäuren bekannte Basen und bestehen somit lediglich aus Ribosephosphat

- 16 -

(z.B. nicht-paarende Basenanaloga und universell paarende Basenanaloga, wie poly-Inosin). Nicht-basische Nukleotide sind dem Fachmann aus der Oligonukleotid-Synthese hinreichend bekannt. Die Verwendung nicht-basischer Nukleotide im Bereich
5 der Schleifen-Struktur (loop-Struktur) des Hairpin-Oligonukleotids verhindert die Ausbildung unspezifischer Basenpaarungen im Bereich der Schleife-Struktur, die den Schmelzpunkt des Oligonukleotids beeinflussen können. Das Hairpin-Oligonukleotid weist gegenüber den frei in Lösung
10 befindlichen Oligonukleotiden den Vorteil auf, daß die beiden Stammteile infolge der räumlichen Nähe zueinander besser rehybridisieren, es liegt nur eine anstelle von zwei freien 3'-OH-Gruppen vor, und es besteht ein sterisches Hybridisierungshindernis für den Loop.

15

Zusätzlich zu der abasischen Spacer-Sequenz kann das Haarnadelschleifen-Oligonukleotid eine Phosphatgruppe anstelle der 3'-OH-Gruppe aufweisen. Durch den Austausch der 3'-terminalen OH-Gruppe durch eine Phosphatgruppe kann man eine Interferenz des
20 Oligonukleotids mit der Nukleinsäureamplifikationsreaktion verhindern. Anstelle der Phosphorylierung am 3'-terminalen Ende kann auch jede sonstige Substitution eingesetzt werden, die eine Esterifizierung verhindert, d.h. z.B. Fluorescein-Markierung, Iodierung, Biotinylierung, etc. Durch den Austausch
25 der Hydroxylgruppe kann die Verlängerung des Oligonukleotids bei der PCR verhindert werden, da die DNA-Polymerase die für die Verknüpfung von Nukleotid notwendige Esterbindung nur zwischen einer 5'-Phosphatgruppe und einer 3'-OH-Gruppe, nicht aber zwischen zwei Phosphatgruppen zu katalysieren vermag.
30 Verfahren zur Phosphorylierung des 3'-Terminus von Nukleinsäuren sind dem Fachmann wohl bekannt.

Gemäß einer besonderen Ausführungsform der Erfindung weisen die komplementären Sequenzabschnitte des Haarnadelschleifen-
35 Oligonukleotids die SEQ ID NO:1 und SEQ ID NO:2 dargestellten Nukleotidsequenzen auf ("SEQ ID NO" steht für die im

Sequenzprotokoll jeweils enthaltenen Kennzahlen "<400>" gemäß WIPO Standard ST.25). Die Oligonukleotid-Sequenzen sind vorzugsweise durch eine Spacer-Sequenz einer Länge von 3 bis 500, vorzugsweise 10 bis 60 abasischen Nukleotiden, insbesondere Ribose-Phosphatresten, verbunden. Eine Länge von 20 Ribose-Phosphatresten ist besonders bevorzugt. Dieses Molekül mit der (Nukleinsäure-) Sequenz ACAGTAACCTGTACAGACCT-TAGTlllllllllllllllllllACTAAGTGCTGTACAGGTTACTGT (entsprechend <SEQ ID NO:6>-llllllllllllllllll-><SEQ ID NO:7>, wobei "A" für Adenin, "C" für Cytosin, "T" für Thymin, "G" für Guanin und "I" für Ribosephosphat steht) wird vorliegend mit "SGS3" bezeichnet. Die Struktur von SGS3 ist in Fig. 2 wiedergegeben.

Gegenstand der Erfindung sind ferner Oligonucleotid-Farbstoff-
15 Komplexe bestehend aus einem oben genannten Haarnadelschleifen-
Oligonukleotid (vorzugsweise mit der Sequenz <SEQ ID NO:6>-
11111111111111111111-<SEQ ID NO:7>), und einem selektiv an
doppelsträngige Desoxyribonukleinsäure (dsDNA) bindenden
Farbstoff. Bei dem Farbstoff handelt es sich gemäß einer
20 bevorzugten Ausführungsform um SYBR[®] Green I, SYBR[®] Green II oder
Ethidiumbromid.

Die Polymerasen, die erfindungsgemäß bei der Reversen Transkription Anwendung finden können, sind vorzugsweise aus der folgenden Gruppe ausgewählt: DNA-Polymerase aus *Thermus thermophilus* (Th-Polymerase), Reverse Transkriptase aus Moloney Murine Leukemia Virus (MMuLV-RT) und Reverse Transkriptase aus Avian Myeloma Virus (AMV-RT), Reverse Transkriptase aus Rous Associated Virus (RAV2-RT) und andere Reverse Transkriptasen retroviralen Ursprungs. Erfindungsgemäß können ein oder mehrere Enzyme aus dieser Gruppe für die Reverse Transkription verwendet werden.

Gemäß einer weiteren Ausführungsform der Erfindung handelt es sich bei der auf die Reverse Transkription folgenden Amplifi-

kation der cDNA um eine Polymerasekettenreaktion (PCR). Zu deren Durchführung verwendet man vorzugsweise eine DNA-Polymerase(n) aus der folgenden Gruppe: *Thermus aquaticus*-Polymerase (Taq-Polymerase), *Thermus flavus*-Polymerase (Tfl-Polymerase), 5 *Thermotoga maritima*-Polymerase (Tma-Polymerase) und *Pyrococcus furiosus*-Polymerase (Pfu-Polymerase). Gemäß einer besonderen Ausführungsform sind Tfl-, Tma- und Pfu-Polymerase bevorzugt, da diese Polymerasen proofreading-Enzyme (3'-5'-Exonuclease Aktivität) sind, die eine geringere Fehlerrate als die Taq- 10 Polymerase aufweisen. Es kann auch eine Mischung aus mehreren Polymerasen verwendet werden, klassischerweise Pfu und Taq.

Gemäß einer besonders bevorzugten Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens verwendet man zur 15 Nukleinsäureamplifikation eine Kombination von MMuLV-RT und Taq-Polymerase und für die Detektion SYBR[®] Green I als Farbstoff.

Die vorliegende Erfindung betrifft ferner Kits zur Verwendung 20 in oder zur Durchführung des erfindungsgemäßen Verfahrens. Gemäß einer Ausführungsform enthält ein solches Kit ein zumindest teilweise doppelsträngiges Oligonukleotid, dessen Schmelztemperatur oberhalb der zur Durchführung der Reversen Transkription aber unterhalb der zur Detektion von PCR- 25 Produkten geeigneten Temperatur (80-90°C) liegt, einen Farbstoff, der selektiv an doppelsträngige DNA bindet. Vorzugsweise enthalten die Kits einen oben genannten Oligonukleotid-Farbstoff-Komplex. Die Kits enthalten gegebenenfalls weitere Reagenzien und Hilfsmittel, die man 30 üblicherweise zur Durchführung einer Nukleinsäureamplifikation benötigt, bei der man in einer einstufigen Reaktion RNA revers transkribiert, man die entstandene komplementäre DNA (cDNA) amplifiziert und bei der man die gebildeten Amplifikate (sequenzunabhängig) in Echtzeit detektiert. Bei diesen 35 Reagenzien kann es sich beispielsweise um Reaktionspuffer

- 19 -

handeln, die eine für die Reaktion erforderliche Konzentration bestimmter Ionen, wie Magnesium- (Mg^{2+}) oder Manganionen (Mn^{2+}), gewährleisten. Weiterhin kann es sich um Reagenzien handeln, die eine Ausbildung von Sekundärstrukturen der RNA hemmen und somit die Effizienz der Reversen Transkription erhöhen. Es kann sich ferner um RNase-freies Wasser zum Ansetzen der Amplifikations-Reaktionsansätze oder um RNase-Inhibitoren handeln, die eine enzymatische Degradation der Ausgangs-RNA durch kontaminierende RNAsen im Reaktionsansatz inhibieren.

10 Darüber hinaus können die Reagenzien und Hilfsmittel zur Durchführung einer Nukleinsäureamplifikation auch Lösungen der Desoxynukleotidtriphosphate dATP, dCTP, dGTP und dTTP umfassen.

Bezüglich der Bestandteile der Kits wird im übrigen auf die obigen Ausführungen zur den bei dem erfindungsgemäßen Verfahren eingesetzten Enzyme, Oligonukleotide und Farbstoffe und deren Eigenschaften verwiesen.

Gemäß einer besonders bevorzugten Ausführungsform der Erfindung enthält das Kit eine Kombination der Enzyme MMuLV-RT und Taq-Polymerase sowie SYBR[®] Green I als Farbstoff.

Die Erfindung wird nachfolgend anhand von Beispielen, Figuren und einem Sequenzprotokoll näher beschrieben.

Beispiele

Material und Methoden

Als Modell-PCR-Systeme zur Etablierung einer einstufigen RT-PCR mit SYBR[®] Green I-Detektion wurden etablierte Assays für Lassa-virus (Demby, A. et al. "Early diagnosis of Lassa fever by reverse transcription PCR" J. Clin. Microbiol. 32 (1994) 2898-2903) und Ebolavirus (Sanchez, A. et al. "Detection and

- molecular characterization of Ebola viruses causing disease in human and nonhuman primates" J. Infect. Dis. 179 (1999) Suppl 1 S164-169) verwendet. Die veröffentlichten Primer waren jeweils mit Hilfe des Superscript II/Platinum[®] One-Step RT-PCR System (Life Technologies, Karlsruhe, Deutschland) in das einstufige RT-PCR Format überführt worden. Die Sensitivität beider Verfahren belief sich auf ca. 20 Kopien in vitro transkribierter RNA pro Reaktion. Die verwendeten Enzyme waren eine MMuLV Reverse Transkriptase und eine Taq DNA-Polymerase.
- 10 Zur Testung von alleiniger DNA-Amplifikation wurde außerdem eine Taq DNA-Polymerase eines anderen Herstellers verwendet (AmpliTa[®] Gold, Perkin-Elmer, Weiterstadt, Deutschland). Der Farbstoff SYBR[®] Green I (z.B. kommerziell von der Fa. Roche, Mannheim, Deutschland, erhältlich als 10000x Konzentrat in
- 15 DMSO) wurde in allen Experimenten in Dimethylsulfoxid (DMSO) verdünnt. Die Mindestkonzentration von SYBR[®] Green I zur Detektion von PCR-Produkten liegt bei 0,001% v/v in der Reaktion. Soweit nicht anders angegeben, wurde in den folgenden Experimenten diese Konzentration eingesetzt. Sämtliche RT-PCR-
- 20 und PCR-Amplifikationen wurden in einem LightCycler[®] (Roche) durchgeführt.

Durchführungsprotokoll für Ebola-Virus:

- 25 Eine Reaktion enthielt 10 µl Superscript/Platinum RT-PCR Reaktionsmix (Fa. Life-Technologie, Karlsruhe), 0,8 µg Rinderserumalbumin (BSA, Fa. Sigma, München), 0,75mM Magnesiumsulfat, 1 µM Primer Filo A: (atcggaattttttttctcatt, SEQ ID NO:1), 1 µM Primer Filo B:
- 30 (atgtgggtgggttataataatcactgacatg, SEQ ID NO:2) und 0,4 µl Superscript/Platinum Enzymmischung (Fa. Life-Technologie, Karlsruhe). Dem Reaktionsvolumen von 18 µl wurden noch 2 µl RNA-Extrakt, gewonnen mit dem Qiamp Viral RNA Kit (Fa. Qiagen, Hilden) beigelegt. Folgendes Temperaturprofil wurde

- 21 -

durchlaufen: 50°C für 20 Minuten, 95°C für 5 Minuten, 10 Zyklen: 95°C für 5 Sekunden, 60°C für 5 Sekunden (Temperaturdekrement 1°C/Zyklus), 72°C für 25 Sekunden, 40 Zyklen: 95°C für 5 Sekunden, 56°C für 10 Sekunden, 72°C für 25 Sekunden.

5

Durchführungsprotokoll für Lassa-Virus:

Eine Reaktion enthielt 10 µl Superscript/Platinum RT-PCR Reaktionsmix (Fa. Life-Technologie, Karlsruhe), 0,8 µg Rinderserumalbumin (BSA, Fa. Sigma, München), 2,5 mM Magnesiumsulfat, 300 µM Primer 36E2: (accggggatccttaggcattt, SEQ ID NO:3), 1 µM Primer 80F2: (atataatgatgactgttcttctttgtgca, SEQ ID NO:4), und 0,4 µl Superscript/Platinum Enzymmischung (Fa. Life-Technologie, Karlsruhe). Dem Reaktionsvolumen von 18 µl wurden noch 2 µl RNA-Extrakt, gewonnen mit dem Qiamp Viral RNA Kit (Fa. Qiagen, Hilden) beigelegt. Folgendes Temperaturprofil wurde durchlaufen: 50°C für 20 Minuten, 95°C für 5 Minuten, 10 Zyklen: 95°C für 5 Sekunden, 60°C für 5 Sekunden (Temperaturdekrement 1°C/Zyklus), 72°C für 25 Sekunden, 40 Zyklen: 95°C für 5 Sekunden, 56°C für 10 Sekunden, 72°C für 25 Sekunden.

Beispiel 1: Hemmung der Taq DNA-Polymerase

25

Um zu zeigen, daß in der RT-PCR die RT, nicht jedoch die Taq DNA-Polymerase gehemmt wird, wurden Amplifikationen einer geringen Menge von Lassa DNA, die kloniert in einem Plasmid vorlag, unter Verwendung einer Taq Polymerase durchgeführt. 30 Fig. 3 zeigt das Ergebnis des Versuches. Wie der Figur zu entnehmen ist, wurde die Taq DNA-Polymerase in Gegenwart von SYBR Green I in einer Konzentration von 0,001% nicht gehemmt.

Beispiel 2: Hemmung der RT-PCR durch SYBR[®] Green I

Um eine Hemmung der RT-PCR durch SYBR[®] Green I zu demonstrieren, wurden absteigende Mengen *in vitro* transkribierter Ebola RNA mit der oben unter "Material und Methoden" zitierten, für Ebola anwendbaren einstufigen RT-PCR amplifiziert, und der Reaktion wurde SYBR[®] Green I zugesetzt. Die Menge an DMSO, welches als Trägerlösung von SYBR[®] Green I notwendig war, wurde dabei konstant gehalten. Fig. 4 zeigt das Ergebnis des Versuchs. Es ließ sich feststellen, daß eine Konzentration von 0,001% SYBR[®] Green I die RT-PCR inhibiert, die PCR hingegen nicht beeinflusst.

15 Beispiel 3: Immobilisierung von SYBR[®] Green I

Es wurde ferner überprüft, ob die Hemmung der RT durch SYBR[®] Green I dadurch vermieden werden kann, daß der Farbstoff zu Beginn der RT-PCR vom eigentlichen Reaktionsvolumen getrennt wird. Zum Zeitpunkt, an dem die eigentliche Reverse Transkription abläuft, wird der Farbstoff noch nicht für eine Detektion benötigt. Um eine physikalische Trennung zu erreichen, wurde die benötigte Menge an Farbstoff (0,001% entsprechend) in 1 µl DMSO gelöst, und dieses Volumen wurde am Boden von LightCycler[®]-Reaktionsgefäßen bei einer Temperatur von -20°C festgefroren. Durch den hohen Schmelzpunkt von DMSO (18,45°C) blieb es dort während des gesamten Ansatzprozesses der RT-PCR fixiert und wurde erst beim Erwärmen des Reaktionsansatzes auf die Reaktionstemperatur der Reversen Transkriptase (50°C) freigesetzt. Um die Auswirkungen dieses verfahrens auf die Sensitivität der RT-PCR zu untersuchen, wurden Amplifikationen von Lassa RNA *in vitro*-Transkript in

einer Verdünnungsreihe unter den beschriebenen Bedingungen sowie in Parallelansätzen unter normalen Bedingungen durchgeführt.

- 5 Fig. 5 zeigt das Ergebnis der Amplifikationen. Fig. 6 zeigt die gleichzeitige Detektion der letzten Stufen der amplifizierten RNA-Verdünnungsreihe des Ansatzreihe A im LightCycler[®].

- Es bestand kein Unterschied zwischen beiden Ansatzreihen im
10 Hinblick auf die Sensitivität. In beiden Ansatzreihen konnten 200 Kopien Lassa RNA nachgewiesen werden, wobei die Immobilisierung von SYBR Green I gleichzeitig eine real-time Quantifizierung des Produkts erlaubte. Die Diffusionszeit des DMSO in Ansatzreihe A war offenbar lang genug, um eine
15 effiziente Funktion der Reversen Transkriptase zu ermöglichen.

Beispiel 4: Immobilisierung des Farbstoffs an ein Oligonukleotid

20

- Da die in Beispiel 3 beschriebene Immobilisierungsmethode hinsichtlich der Vorbereitung relativ aufwendig ist, wurde versucht, SYBR Green I an ein partiell doppelsträngiges DNA-Oligonukleotid zu binden. Dabei wurde ausgenutzt, daß SYBR Green I spezifisch an doppelsträngige DNA, praktisch jedoch nicht an einzelsträngige DNA bindet. Es wurde ein Haarnadel-Oligonukleotid hergestellt, welches eine Stamm-Schleife-Struktur aufweist. Die Stamm-Schleife-Struktur wies einen Schmelzpunkt auf, der zwar über der Arbeitstemperatur der
30 Reversen Transkriptase, jedoch unter der Extensionstemperatur der PCR lag. Auf diese Weise sollte SYBR Green I während der Reversen Transkription immobilisiert vorliegen, während der PCR jedoch für die Detektion zur Verfügung stehen. Das Oligonukleotid erhielt die Bezeichnung SGS1 (SGS für "SYBR"

Green Suppressor"). Die Sequenz von SGS1 ist im Sequenzprotokoll unter SEQ ID NO:5 wiedergegeben, die Struktur ist in Fig. 7 dargestellt.

- 5 Es wurden aufsteigende Konzentrationen von SGS1 mit einer konstante Menge von 0,001% (v/v) SYBR[®] Green I versetzt, und die resultierende Fluoreszenz wurde bei einer Temperatur von 50°C gemessen. Fig. 8 zeigt die Bindung von SYBR[®] Green I an SGS1. Es ließ sich ein deutlich konzentrationsabhängiger Bindungseffekt
10 mit Sättigungskinetik feststellen.

Beispiel 5: SGS1 in der RT-PCR und Modifikation von SGS1

- 15 Um in der RT-PCR als SYBR[®] Green I-Immobilisator zu fungieren, durfte das SGS1-Molekül nicht mit der RT-PCR interferieren. Es wurden etwa 10000 Moleküle Ebola RNA *in vitro*-Transkript in Gegenwart von aufsteigenden Konzentrationen SGS1 (ohne SYBR[®] Green I-Zusatz) amplifiziert. Wie Fig. 9 zeigt, wirkte SGS1
20 bereits in einer Konzentration von 50 nM hemmend auf die RT-PCR.

Beispiel 6: Herstellung und Bindungskinetik von SGS3

- 25 Es wurde versucht, die starke Interferenz des Oligonukleotids mit der RT-PCR durch Modifikationen des Moleküls zu beseitigen, die die Adsorption des Farbstoffs möglichst unbeeinflusst lassen sollten. Um eine Extension des SGS1 in der PCR zu verhindern,
30 wurde die 3'-OH des SGS1 durch eine Phosphatgruppe ersetzt. Weiterhin wurde die Loop-Region des SGS1 durch ein abasisches ssDNA-Segment ersetzt, um unspezifische DNA-Bindung in diesem Bereich zu verhindern. Die erhaltene Sequenz erhielt die Bezeichnung SGS3. Die durch das abasische ssDNA-Segment

verbundenen Oligonukleotidabschnitte von SGS3 sind in SEQ ID NO:6 und 7 wiedergegeben, die Struktur ist in Fig. 2 gezeigt. Die Bindungskinetik von SGS3 entsprach der von SGS1 (siehe Beispiel 4) und ist hier nicht gesondert dargestellt.

5

Beispiel 7: SGS3 in der RT-PCR

Das in Beispiel 5 beschriebene Experiment wurde unter Verwendung des Oligonukleotids SGS3 wiederholt. Fig. 10 zeigt, daß der Inhibitionseffekt erst bei einer Konzentration von 100 nM SGS3 pro Reaktion auftritt.

15 Beispiel 8: Immobilisierung von SYBR[®] Green I an SGS3 in der RT-PCR

Um die Immobilisierung von SYBR[®] Green I an SGS3 sowie dessen Freisetzung zur Detektion während der RT-PCR zu überprüfen, mußte die optimale Konzentration von SGS3 ermittelt werden, die das SYBR[®] Green I noch effizient bindet, die Reaktion jedoch unbeeinflusst läßt. Es wurden Amplifikationen von etwa 10⁹ Kopien Ebola RNA in vitro-Transkript in Gegenwart von aufsteigenden Konzentrationen SGS3 durchgeführt. Diese hohe RNA Menge wurde ausgewählt, um die Reversion der Inhibition durch unterschiedliche Konzentrationen SGS3 zu untersuchen. Die Konzentration von SYBR[®] Green I betrug dabei konstant 0,001% v/v. Die Positivkontrolle (Spur 6) enthielt weder SGS3 noch SYBR[®] Green I.

30

Fig. 11 zeigt das Ergebnis der Amplifikationsreaktionen. Insbesondere zeigt Spur 1, daß die gewählte Konzentration des Farbstoffs die Amplifikation auch höchster Mengen an RNA (Spur 1, 10⁹ Kopien pro Reaktion) vollständig inhibiert. Wie Fig. 11

ferner zu entnehmen ist, war eine Konzentration von 50 nM SGS3 dazu geeignet, die Inhibition aufzuheben. Dabei waren höhere und niedrigere Konzentrationen des Oligonukleotids suboptimal, entweder durch SGS-bindingte PCR-Interferenz (siehe Beispiel 7) 5 oder durch mangelnde SYBR[®] Green I-Immobilisierung.

Beispiel 9: Vergleich der Sensitivität des erfindungsgemäßen Verfahrens mit einer konventionellen, maximal optimierten, einstufigen RT-PCR 10

Zur weiteren Verbesserung der Sensitivität des erfindungsgemäßen Verfahrens wurde das thermische Amplifikationsprofil der Reaktion dahingehend modifiziert, daß 15 das an SGS3 gebundene SYBR[®] Green I erst zur Detektionstemperatur jedes Zyklus freigesetzt wurde. Der Schmelzpunkt der Stamm-Schleife-Struktur von SGS3 war zuvor experimentell ermittelt worden und betrug 72°C, d.h. oberhalb von 72°C wird SYBR[®] Green I aus der Bindung an das Oligonukleotid 20 freigesetzt. Im Thermocycler-Profil wurde der Extensionsschritt von 72°C auf 65°C abgesenkt, um auch während der Arbeitstemperatur der DNA-Polymerase den Farbstoff in der Oligonukleotidbindung zu halten. Anschließend wurde die Detektionstemperatur von 72°C auf 82°C erhöht, um eine maximale 25 Freisetzung von SYBR[®] Green I während der Detektion zu gewährleisten. Dies hatte gleichzeitig den Vorteil, daß unspezifische Nebenprodukte der PCR, wie Primer-Dimere, deren Schmelztemperatur immer unter 80°C lag (empirischer Wert, gilt für fast jede RT-PCR), nicht unerwünscht mitdetektiert wurden. 30 Zum Sensitivitätsvergleich wurde eine Verdünnungsreihe Ebola RNA *in vitro*-Transkript in einer konventionellen, mit diesem Thermoprofil maximal optimierten, einstufigen RT-PCR ohne Möglichkeit der real-time-Quantifizierung wie unter

Routinetestbedingungen amplifiziert. Die gleichen Proben wurden unter den gefundenen Bedingungen (0,001% SYBR[®] Green I, 50 nM SGS3) bei sonst gleicher Formulierung der Reaktionsansätze amplifiziert. Dabei wurde in diesen Proben gleichzeitig die 5 Fluoreszenz während der Reaktion gemessen. Wie aus Fig. 12 ersichtlich, ist die Sensitivität beider Verfahren annähernd gleich. Fig. 13 zeigt die entsprechende real-time Fluoreszenzkinetik, die während der Reaktion erhoben wurde. Es sind extrem regelmäßige Log-Stufen Abstände sichtbar, wie sie 10 erfahrungsgemäß sonst nur mit Hilfe von Sondendetektion zu erzielen sind.

Beispiel 10: Schmelzpunktanalyse

15

In der Schmelzkurvenanalyse wird folgendes Temperaturprofil durchlaufen: 95°C für 10 Sekunden (zum Schmelzen aller in der Reaktion befindlichen Doppelstränge), 60°C für 20 Sekunden (zur Rehybridisierung aller in der Reaktion befindlichen Doppel- 20 stränge, langsames Aufheizen (0,1°C/Sekunde) mit kontinuierlicher Fluoreszenzmessung zur Ermittlung der Schmelztemperatur (d.h., der Temperatur, bei der die Doppelstränge schmelzen, Sybr[®] Green in Lösung geht und somit nicht mehr emittiert). Fig. 13 zeigt die dabei erhobene 25 Fluoreszenz (y-Achse) in Abhängigkeit von der Temperatur. Die in Fig. 14 errechnete negative erste Ableitung des Signals ergibt die dargestellten Schmelzpeaks (Punkt der maximal negativen Steigung der Fluoreszenzreversion). Dieser Punkt entspricht der Temperatur, zu der 50% aller Doppelstränge in 30 den einzelsträngigen Zustand übergehen ("Schmelzpunkt").

Fig. 14 zeigt das Ergebnis der Schmelzpunktanalyse von SGS3. Es läßt sich ein sehr scharf definierter spezifischer Schmelzpunkt bei 85°C nachweisen. Der Schmelzpunkt in der Negativkontrolle

liegt bei ca. 77°C und entspricht einem Primer-Dimer, das auf Grund der oben erläuterten erhöhten Detektionstemperatur nicht in der real-time Kinetik erfaßt wird. Dies wäre auch für die Quantifizierung störend.

5

Beispiel 11: Übertragbarkeit des Verfahrens auf andere Viren

Das oben beschriebene Verfahren (insbesondere Kombination der
10 angegebenen Konzentrationen an SGS3 und SYBR[®] Green I mit dem modifizierten PCR-Profil) wurde u.a. erfolgreich in folgende einstufiger RT-PCR Verfahren implementiert:

Lassa RT-PCR;
15 Ebola RT-PCR;
LCMV RT-PCR;
HIV-1 RT-PCR.

Legende der Figuren:

Fig. 1: Fluoreszenz-Anregungs- und Fluoreszenz-Emissionsspek-
5 tren von SYBR[®] Green I und SYBR[®] Gold

Fig. 2: Strukturskizze eines erfindungsgemäßen Haarnadelschlei-
fen-Oligonukleotids am Beispiel des Moleküls SGS3.
Einzelsträngiges abasisches Schleifensegment (20
10 Basen) und doppelsträngige Stammstruktur (24
Basenpaare). Das freie 3'-OH ist gegen eine
Phosphatgruppe (P) ausgetauscht.

Fig. 3: Amplifikation einer geringen Menge Lassa cDNA (klo-
15 niert) mit einer normalen Taq DNA Polymerase. Spuren
1,4 und 7: ca. 2000 Kopien DNA; Spuren 3,6 und 9: ca.
20 Kopien DNA; Spuren 2,5 und 8: Wasser. A: 0,001%
Sybr[®] Green, 5% DMSO; B: kein Sybr[®] Green, 5% DMSO; C:
kein Sybr[®] Green, kein DMSO.

20
Fig. 4: Ebola RNA in-vitro Transkript (10^9 - 10^6 Kopien pro
Reaktion) wurde mit (Reaktionen 6-10) und ohne (Reak-
tionen 1-5) 0,001% Sybr[®] Green in einer 1-Step RT-PCR
amplifiziert. Sybr[®] Green hemmt in dieser Konzentration
25 die RT-PCR, jedoch nicht die PCR (vgl. Fig. 3). Spuren
1 und 6: Negativkontrolle; Spuren 2 und 7: 10^9 Kopien
pro Reaktion; Spuren 3 und 8: 10^8 Kopien pro Reaktion;
Spuren 4 und 9: 10^7 Kopien pro Reaktion; Spuren 5 und
10: 10^6 Kopien pro Reaktion.

30
Fig. 5: Amplifikation einer Verdünnungsreihe Lassa-RNA in-
vitro Transkript; die Menge an RNA Kopien pro Reaktion
ist oben angegeben. A: Amplifikation in Gegenwart von
0,001% Sybr[®] Green, vor der Reaktion am Reagenzgefäßbo-

den angefroren. Die Zahlen über den jeweiligen Gel-spuren bezeichnen die Anzahl der RNA-Kopien pro Reaktion (ab 1000 Kopien in Exponentialschreibweise).

B: Kontrollansatzreihe ohne Sybr[®] Green.

5

Fig. 6: Online-Fluoreszenzdetektion der Reihe A aus Fig. 5. Dargestellt sind der Übersicht wegen nur die letzten drei positiv detektierten Stufen der Verdünnungsreihe und die Negativkontrolle.

10

Fig. 7: Strukturskizze des Moleküls SGS1. Einzelsträngiges Schleifensegment (37 Basen Zufallssequenz), 30 Basen-paare doppelsträngige Stammstruktur. Das freie 3'-OH ist im Gegensatz zu SGS3 vorhanden.

15

Fig. 8: Bindung von Sybr[®] Green an SGS1. Die Reaktionen enthielten konstant 0,001% Sybr[®] Green und die unten angegebenen Konzentrationen an SGS1 in μM . Die Fluoreszenz wurde bei 50°C (RT-Temperatur) gemessen.
20 >>>: Extremer Überschuß SGS1; -SGS: Kontrolle ohne SGS, mit 0,001% Sybr[®] Green; -SYBR: Kontrolle ohne Sybr[®] Green, aber mit 1600 nM SGS1.

25

Fig. 9: Amplifikation von ca. 10000 Molekülen Ebola-RNA mit aufsteigender Konzentration SGS1 pro Reaktion, ohne Sybr[®] Green. Spur 1: Kein SGS; Spur 2: 50 nM; Spur 3: 100 nM; Spur 4: 200 nM; Spur 5: 400 nM; Spur 6: 800 nM; Spur 7: 1600 nM; Spur 8: 3200 nM

30 Fig. 10: Amplifikation von ca. 10000 Molekülen Ebola-RNA mit angegebener Konzentration SGS3 pro Reaktion, ohne Sybr[®] Green. Im Vergleich zu der in Fig. 9 dargestellten Reaktion toleriert die Reaktion höhere Konzentrationen

des modifizierten SGS-Moleküls.

Fig. 11: Amplifikation von 10^9 Kopien Ebola-RNA in-vitro Trans-
kript in Gegenwart von 0,001% Sybr[®] Green und SGS3 in
den angegebenen Konzentrationen. 10^9 Kopien waren ohne
SGS3 in Gegenwart dieser Sybr[®] Green-Konzentration
nicht zu amplifizieren (vgl. Fig. 4). Spur 1: kein
SGS3; Spuren 2-5: wie beschriftet; Spur 6: 10^6 Kopien
Ebola-RNA ohne SGS3 und Sybr[®] Green (+Ctrl).

Fig. 12: Parallele 1-Step RT-PCR Amplifikation einer Ebola-RNA
Verdünnungsreihe mit und ohne 50 nM SGS3/0,001% Sybr[®]
Green. Spur 1: Negativkontrolle; Spuren 2 und 6: 10^6
Kopien RNA pro Reaktion; Spuren 3 und 7: 10^5 Kopien RNA
pro Reaktion; Spuren 4 und 8: 10^4 Kopien RNA pro
Reaktion; Spuren 5 und 9: 10^3 Kopien RNA pro Reaktion.

Fig. 13: Zugehörige real-time Fluoreszenzkinetik zu Fig. 12.
Dargestellt ist der Verlauf des Fluoreszenzsignals,
das in den Reaktionen 1 bis 5 (siehe Beschriftung der
Fluoreszenzverläufe, vgl. gleiche Positionsnummern in
Fig. 12) während der Reaktion gemessen wurde. Das Bild
entspricht dem üblichen Fluoreszenzverlauf einer real-
time PCR.

Fig. 14: Schmelzkurvenanalyse der PCR-Produkte in Fig. 12/Fig.
13; Reaktionen 1 bis 5: hier gleiche Bezeichnung. Das
Vorgehen ist im Beispiel Nr. 10 beschrieben. 1:
Schmelzpeak in der negativen ersten Ableitung der
direkt gemessenen Fluoreszenz bei 77,5°C, entsprechend
einem Primer-Dimer Artefakt. Dies wird in der zur
Quantifizierung herangezogenen Echtzeitkinetik (Fig.
13) nicht erfaßt, da die Fluoreszenz der Reaktion
oberhalb von 77,5°C gelesen wird. 2-5: Reaktionen 2

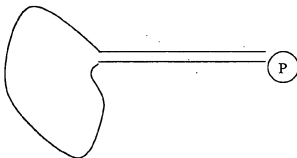
- 32 -

bis 5 aus Fig. 12/Fig. 13. Deutlicher Schmelzpeak bei 85°C für das spezifische PCR-Produkt mit äußerst geringer Variabilität zwischen den Einzelreaktionen.

Patentansprüche:

1. Verfahren zur Durchführung einer Nukleinsäureamplifikation, bei dem man in einer einstufigen Reaktion RNA revers transkribiert, die gebildete komplementäre DNA (cDNA) amplifiziert und die gebildeten Amplifikate sequenzunabhängig in Echtzeit detektiert, wobei man zur Detektion einen Farbstoff verwendet, der selektiv an doppelsträngige Desoxyribonukleinsäure (dsDNA) bindet, **dadurch gekennzeichnet**, daß man den Farbstoff vor der reversen Transkription immobilisiert, um eine Hemmung der reversen Transkription zu vermeiden, man ihn vor der Amplifikation wieder freisetzt und damit zur Bindung an die Amplifikate zur Verfügung stellt, wobei man die Farbstoff-gebundenen Amplifikate qualitativ und/oder quantitativ nachweist.
2. Verfahren nach Anspruch 1, **dadurch gekennzeichnet**, daß man den Farbstoff immobilisiert, indem man ihn in einem Lösungsmittel mit einem Schmelzpunkt im Bereich von 10°C bis 40°C löst und man die Farbstofflösung am Boden des Reaktionsgefäßes festfriert, wobei der Farbstoff durch die erhöhten Reaktionstemperaturen der reversen Transkription freigesetzt wird und in die Reaktionslösung diffundiert.
3. Verfahren nach Anspruch 2, **dadurch gekennzeichnet**, daß das Lösungsmittel Dimethylsulfoxid (DMSO) ist.
4. Verfahren nach Anspruch 1, **dadurch gekennzeichnet**, daß man den Farbstoff immobilisiert, indem man ihn an ein zumindest teilweise doppelsträngiges Oligonukleotid binden läßt, dessen Schmelztemperatur oberhalb der zur Durchführung der reversen Transkription erforderlichen Temperatur liegt, und man den Farbstoff freisetzt, indem man die Temperatur vor der Amplifikation erhöht, um ein einzelsträngiges Oligonukleotid zu bilden, an das der Farbstoff nicht mehr bindet.

5. Verfahren nach Anspruch 4, dadurch gekennzeichnet, daß der Schmelzbereich des Oligonukleotids im Bereich von etwa 45°C bis etwa 85°C liegt.
6. Verfahren nach Anspruch 4 oder 5, dadurch gekennzeichnet, daß es sich bei dem Oligonukleotid um ein Haarnadelschleifen-Oligonukleotid handelt.
7. Verfahren nach Anspruch 6, dadurch gekennzeichnet, daß das Oligonukleotid die allgemeine Struktur



aufweist, wobei das Molekül eine abasische Loop-Sequenz aufweist.

8. Verfahren nach Anspruch 7, dadurch gekennzeichnet, daß das Molekül ferner eine Phosphatgruppe anstelle der 3'-OH-Gruppe aufweist.
9. Verfahren nach den Ansprüchen 6 bis 8, dadurch gekennzeichnet, daß das Oligonukleotid die Sequenz

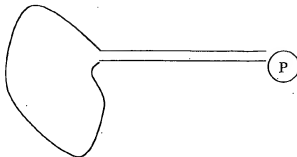
ACAGTAACCTGTACAGACCTTAGT11111111111111111111ACTAAGGTCTGTA-
CAGGTTACTGT

aufweist, wobei "1" für Ribosephosphat steht.

- 35 -

10. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 9, dadurch gekennzeichnet, daß man zur reversen Transkription ein oder mehrere Enzyme aus der Gruppe bestehend aus DNA-Polymerase aus *Thermus thermophilis* (Tth-Polymerase), Reverse Transkriptase aus *Moloney Murine Leukemia Virus* (MMuLV-RT), Reverse Transkriptase aus *Avian Myeloma Virus* (AMV-RT), Reverse Transkriptase aus *Rous Associated Virus* (RAV2-RT) und anderen Reversen Transkriptasen retroviralen Ursprungs verwendet.
11. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es sich bei Amplifikation der komplementären DNA (cDNA) eine Polymerasekettenreaktion (PCR) handelt.
12. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 11, dadurch gekennzeichnet, daß man für die Polymerasekettenreaktion (PCR) eine oder mehrere DNA-Polymerase(n) aus der Gruppe bestehend aus *Thermus aquaticus*-Polymerase (Taq-Polymerase), *Thermus flavus*-Polymerase (Tfl-Polymerase), *Thermotoga maritima*-Polymerase (Tma-Polymerase) und *Pyrococcus furiosus*-Polymerase (Pfu-Polymerase) verwendet.
13. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 12, dadurch gekennzeichnet, daß man den Farbstoff aus der Gruppe bestehend aus SYBR[®] Green I, SYBR[®] Green II und Ethidiumbromid auswählt.
14. Verfahren nach den Ansprüchen 12 und 13, dadurch gekennzeichnet, daß man zur Nukleinsäureamplifikation eine Kombination von MMuLV-RT und Taq-Polymerase verwendet und man als Farbstoff SYBR[®] Green I verwendet.

15. Oligonukleotid der allgemeinen Struktur



das eine abasische Loopsequenz aufweist und eine Phosphatgruppe anstelle der 3'-OH-Gruppe aufweist.

16. Oligonukleotid, dadurch gekennzeichnet, daß es die Sequenz

ACAGTAACCTGTACAGACCTTAGT111111111111111111ACTAAGGTCTGTA-
CAGGT TACTGT

aufweist, wobei "1" für Ribosephosphat steht.

17. Oligonucleotid-Farbstoff-Komplex bestehend aus einem Oligonukleotid nach Anspruch 15 oder 16 und einem selektiv an doppelsträngige Desoxyribonukleinsäure (dsDNA) bindenden Farbstoff.

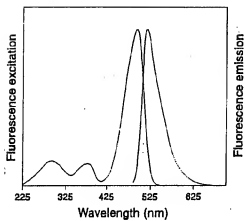
18. Komplex nach Anspruch 17, dadurch gekennzeichnet, daß der Farbstoff SYBR® Green I, SYBR® Green II oder Ethidiumbromid ist.

19. Kit zur Durchführung eines Verfahrens nach den Ansprüchen 1 bis 14, dadurch gekennzeichnet, daß es ein zumindest teilweise doppelsträngiges Oligonukleotid, dessen Schmelztemperatur oberhalb der zur Durchführung der reversen Transkription erforderlichen Temperatur liegt, und einen Farbstoff, der selektiv an doppelsträngige DNA bindet,

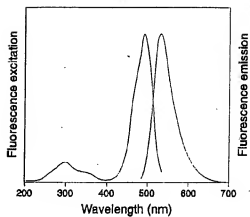
- 38 -

25. Kit zur Durchführung eines Verfahrens nach den Ansprüchen 1 bis 14, dadurch gekennzeichnet, daß es einen Oligonucleotid-Farbstoff-Komplex nach Anspruch 17 oder 18 enthält.
26. Kit nach den Ansprüchen 19 bis 25, dadurch gekennzeichnet, daß es ein oder mehrere Enzyme aus der Gruppe bestehend aus DNA-Polymerase aus *Thermus thermophilis* (Tth-Polymerase), Reverse Transkriptase aus *Moloney Murine Leukemia Virus* (MMuLV-RT), Reverse Transkriptase aus *Avian Myeloma Virus* (AMV-RT), Reverse Transkriptase aus *Rous Associated Virus* (RAV2-RT) und anderen Reversen Transkriptasen retroviralen Ursprungs zur Durchführung der reversen Transkription enthält.
27. Kit nach den Ansprüchen 19 bis 26, dadurch gekennzeichnet, daß es ein oder mehrere Enzyme aus der Gruppe bestehend aus DNA-Polymerase aus *Thermus aquaticus* (Taq-Polymerase), *Thermus flavus*-Polymerase (Tfl-Polymerase), *Thermotoga maritima*-Polymerase (Tma-Polymerase) und *Pyrococcus furiosus*-Polymerase (Pfu-Polymerase) zur Durchführung einer Polymerasekettenreaktion enthält.
28. Kit nach den Ansprüchen 19 bis 27, dadurch gekennzeichnet, daß es eine Kombination von MMuLV-RT und Taq-Polymerase und als Farbstoff SYBR[®] Green I enthält.
29. Kit nach den Ansprüchen 19 bis 28, dadurch gekennzeichnet, daß es weitere Reagenzien und Hilfsmittel zur Durchführung einer Nukleinsäureamplifikation enthält, bei der man in einer einstufigen Reaktion RNA revers transkribiert, man die entstandene komplementäre DNA (cDNA) amplifiziert und bei der man die gebildeten Amplifikate (sequenzunabhängig) in Echtzeit detektiert.

1/14



SYBR Green I



SYBR Gold

Fig. 1

2/14

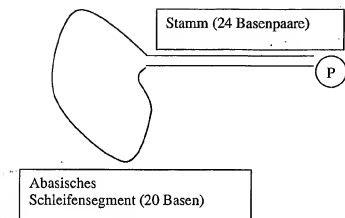


Fig. 2

3/14

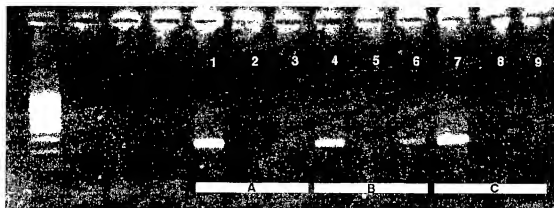


Fig. 3

4/14

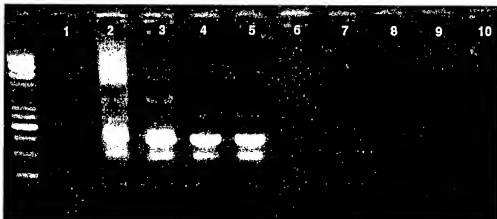


Fig. 4

5/14

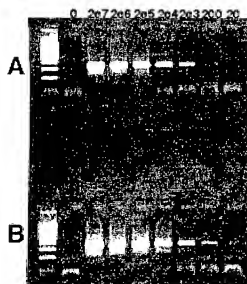


Fig. 5

6/14

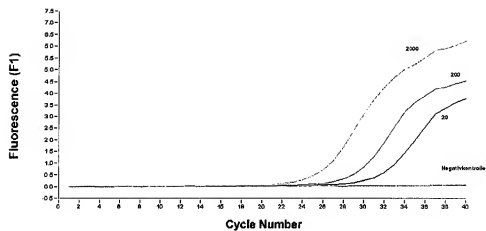


Fig. 6

7/14

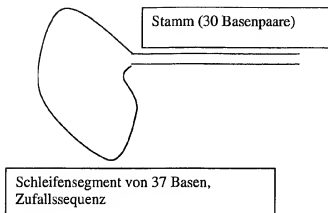


Fig. 7

8/14

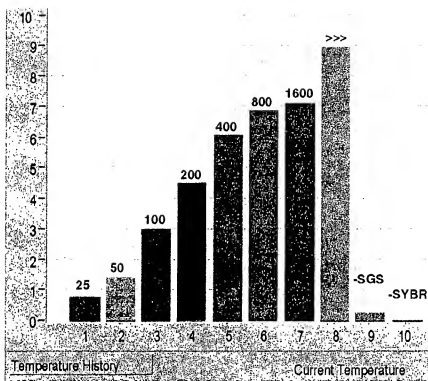


Fig. 8

9/14



Fig. 9

10/14

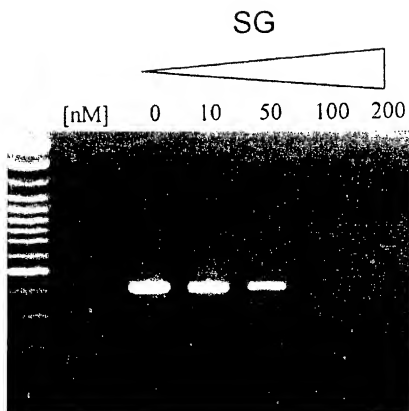


Fig. 10

11/14

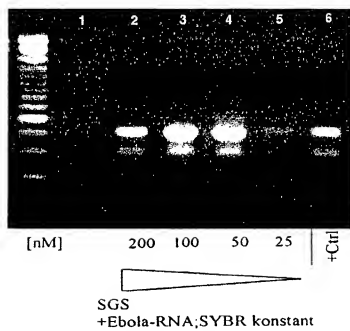


Fig. 11

12/14

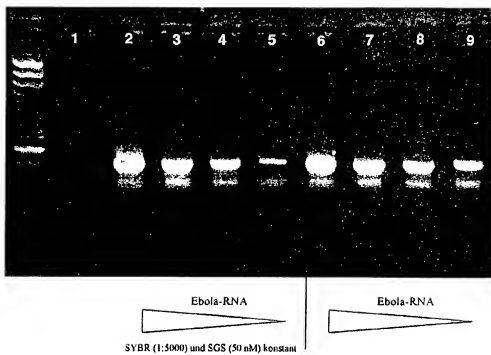


Fig. 12

13/14

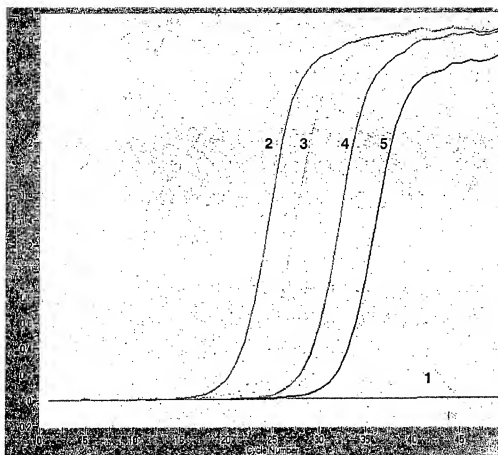


Fig. 13

14/14

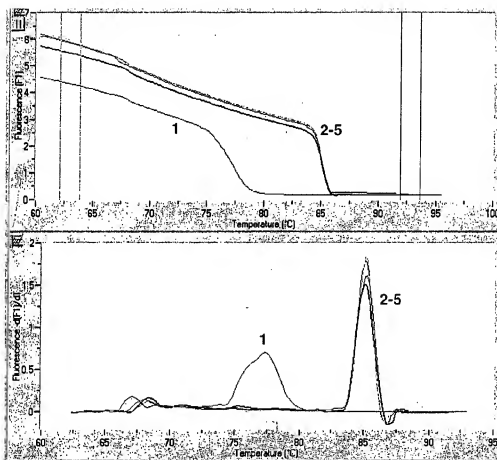


Fig. 14

SEQUENZPROTOKOLL

<110> Bernhard-Nocht-Institut fuer Tropenmedizin
<120> Echtzeitdetektion von DNA-Amplifikationsprodukten
<130> P061583
<140>
<141>
<160> 7
<170> PatentIn Ver. 2.1

<210> 1
<211> 22
<212> DNA
<213> Kuenstliche Sequenz

<220>
<223> Beschreibung der kuenstlichen Sequenz: Primer FiloA

<400> 1
atcggaattt ttcttttctca tt 22

<210> 2
<211> 30
<212> DNA
<213> Kuenstliche Sequenz

<220>
<223> Beschreibung der kuenstlichen Sequenz: Primer FiloB

<400> 2
atgtggtggg ttataataat cactgacatg 30

<210> 3
<211> 20
<212> DNA
<213> Kuenstliche Sequenz

<220>
<223> Beschreibung der kuenstlichen Sequenz: Primer 36E2

<400> 3
accggggatc ctaggcatTT 20

<210> 4
<211> 29
<212> DNA
<213> Kuenstliche Sequenz

<220>
<223> Beschreibung der kuenstlichen Sequenz: Primer 80F2

<400> 4
atataatgat gactgttggt ctttgtgca 29

<210> 5
<211> 97
<212> DNA
<213> Kuenstliche Sequenz

<220>
<223> Beschreibung der kuenstlichen Sequenz: SGS1

<220>
<223> "n" steht jeweils fuer eine beliebige Base a, g, c
oder t

<400> 5
atgctacagt aacctgtaca gaccttagtt nnnnnnnnnn nnnnnnnnnn nnnnnnnnnn 60
nnnnnnnaac taaggctctgt acaggttact gtagcat 97

<210> 6
<211> 24
<212> DNA
<213> Kuenstliche Sequenz

<220>
<223> Beschreibung der kuenstlichen Sequenz: Oligonukleotid-Teilsequenz
von SGS3, invers komplementär zu SEQ ID NO: 7

<400> 6
acagtaacct gtacagacct tagt 24

<210> 7
<211> 24
<212> DNA
<213> Kuenstliche Sequenz

<220>
<223> Beschreibung der kuenstlichen Sequenz: Oligonukleotid-Teilsequenz
von SGS3, invers komplementär zu SEQ ID NO: 6

<400> 7
actaaggctct gtacaggtta ctgt 24